

Introdução/Objetivos: O Hospital Universitário João de Barros Barreto (HUIBB) é uma unidade de assistência, ensino e pesquisa e faz parte do Complexo Hospitalar da Universidade Federal do Pará (CHU-UFPA). Atende a população, por meio do Sistema Único de Saúde (SUS). Em sua história, o hospital nor-teou surtos e epidemias sendo a maior referência do Norte em doenças infecciosas e parasitárias. Em 2022, a instituição capacitou seus profissionais sobre a prevenção de Infecções Relacionadas à Assistência à Saúde. Os métodos tradicionais de linguagem foram substituídos por uma linguagem popular, regional e de fácil entendimento. A campanha de higienização das mãos de 2022 do HUIBB teve como tema a cultura paraense e a valorização do regionalismo objetivando vincular a rotina assistencial à força cultural paraense dos colaboradores.

Métodos: Foram realizadas a elaboração e confecção de materiais educativos utilizando a linguagem coloquial da população paraense. Entre eles, cartazes, folders, quadrinhos, cartilhas, jogos interativos, certificados e rótulos para almo-tolias de álcool a 70%. Os cartazes e folders dos cinco momentos e da técnica de higienização das mãos foram associados às “simpáticas”, gírias e aos dialetos populares paraenses, trazendo o tom descontraído para a informação. Para as almo-tolias de álcool a 70% foram confeccionados rótulos criativos inspirados nas tradicionais “garrafadas” encontradas no mercado do Ver-o-Peso, localizado em Belém do Pará.

Resultados: Em 2021 a adesão global de higienização das mãos foi de 23,5% e a meta para o ano era de 40%. Em 2022 a adesão mensal estava em 16,7% em setembro. As atividades educativas do projeto foram iniciadas e aplicadas nas áreas assistenciais nesse período. Foi observada melhora sustentada da adesão, alcançando 38,4% em dezembro, tendo impacto direto na adesão global do ano (30%).

Conclusão: O HUIBB trouxe a temática da linguagem paraense trabalhando com humor e leveza o principal aliado dos controladores de infecção: a higienização das mãos. Métodos criativos foram capazes de superar as adversidades estruturais que desafiam diariamente a instituição. A metodologia inspirou outra instituição local referência estadual em cardiologia a também utilizar a temática em sua campanha, iniciando um movimento cultural dentro da área da saúde que almeja não se limitar ao Estado do Pará.

Palavras-chave: Higienização das mãos, Educação continuada álcool a 70%

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103428>

VARIABILIDADE GENÉTICA E DISSEMINAÇÃO DE CLONES RESISTENTES AOS CARBAPENÊMICOS EM ENTEROBACTERIALES ISOLADOS DE UM HOSPITAL DA REDE PÚBLICA DE RECIFE-PE

Lamartine Rodrigues Martins*,
Maria Izabely Silva Pimentel, Érica Maria de Oliveira,
Elizabeth Maria Bispo Beltrão,
Ana Catarina Souza Lopes

Universidade Federal de Pernambuco (UFPE), Recife, PE,
Brasil

Introdução/Objetivo: As bactérias da ordem Enterobacterales resistentes a carbapenêmicos estão envolvidas em Infecções Relacionadas à Assistência à Saúde (IRAS), tais isolados de um mesmo hospital podem ou não estar envolvidos clonalmente, uma entre diversas técnicas de detecção de clones é a ERIC-PCR (*Enterobacterial repetitive intergenic consensus – Polymerase Chain Reaction*), capaz de identificar clones dentro de um mesmo hospital. O presente trabalho objetivou investigar a variabilidade genética e a presença de clones resistentes aos carbapenêmicos entre isolados clínicos de diferentes espécies de *Enterobacterales* dentro de um hospital da rede pública de Recife-PE.

Métodos: Foram obtidos 45 isolados resistentes aos carbapenêmicos entre 2021 e 2022, o perfil de susceptibilidade antimicrobiana foi determinado através do equipamento automatizado BD PhoenixTM. Foi realizada a tipagem molecular. Após a extração do DNA total das bactérias, foi determinado a variabilidade genética através da técnica de ERIC-PCR, seguida de análise de dendogramas.

Resultados: Foi identificada heterogeneidade genética em todas as espécies da ordem Enterobacterales analisadas. Nas 19 cepas de *Klebsiella pneumoniae* foram identificados 14 perfis clonais diferentes e dois perfis compostos por clones com 100% de similaridade genética. Um desses clones KP-E2 (K40-A5 e K41-A5), estava presente em pacientes distintos internados na mesma UTI (Unidade de Terapia Intensiva), enquanto outro clone KP-E1 (K3-A5 e K4-A5) estava presente em um mesmo paciente, porém em amostras distintas. Com relação à *Serratia marcescens*, oito cepas apresentaram três perfis clonais heterogêneos e dois compostos por clones. As outras espécies envolvidas no estudo (*Proteus mirabilis*, *Providencia stuartii*, *Providencia rettgeri* e *Enterobacter cloacae*) também apresentaram heterogeneidade genética. Todas as cepas foram resistentes a um ou mais carbapenêmicos.

Conclusão: A alta variabilidade genética das espécies de *Enterobacterales*, principalmente *K. pneumoniae* e *S. marcescens*, descrita no presente estudo, e a presença de clones infectando diferentes pacientes, indica variadas fontes de contaminação no ambiente hospitalar. Como também a capacidade dessas cepas em sofrer mutação e recombinação, fatores que aumentam a variabilidade genética. Todas as espécies e isolados de *Enterobacterales* foram MDR (Multidrogarresistente), o que dificulta a antibioticoterapia.

Palavras-chave: Células Clonais, Reação em Cadeia da Polimerase, Hospital

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103429>

INFECÇÕES VIRAIS (TODOS OS VÍRUS, EXCETO HIV E HEPATITES)

A EPIDEMIOLOGIA DO SARAMPO E A COBERTURA VACINAL NO ESTADO DA BAHIA DE 2016 A 2022

Rodrigo Novais Tavares*

Escola Bahiana de Medicina e Saúde Pública (EBMSP),
Salvador, BA, Brasil

Introdução: O sarampo é uma doença altamente contagiosa e potencialmente fatal. O Brasil recebeu o certificado de eliminação do sarampo em 2016, mas desde então vem enfrentando reduções na cobertura vacinal e passou a registrar novos casos em 2018, que culminaram na perda da certificação. O Brasil ainda enfrentou outro surto de sarampo no ano de 2019 no estado de São Paulo, e mundialmente a Organização Mundial de Saúde relatou um aumento global dos casos de sarampo. A cobertura vacinal da tríplice viral não tem alcançado os valores de referência em diversas unidades federativas, com piora após o isolamento social, gerando população suscetível à surtos de sarampo. Assim, é necessário um estudo que busque avaliar o cenário do sarampo e da vacina no estado da Bahia.

Objetivo: Descrever os indicadores epidemiológicos de sarampo na Bahia, bem como sua cobertura vacinal, no período de 2016 a 2022.

Métodos: Estudo ecológico por série temporal, analisando o número de casos de sarampo, as características sociodemográficas dos casos e a cobertura vacinal. As bases de dados utilizadas foram o Sistema de Informação de Saúde do Programa Nacional de Imunização (SIS-PNI) e o Sistema de Informação de Agravos de Notificação (SINAN), acessados através do DATASUS e da Secretaria da Saúde do Estado da Bahia (SESAB). A incidência foi calculada dividindo-se o número de casos de sarampo pelo total populacional da unidade federativa e multiplicando o resultado por 100.000 habitantes.

Resultados: Foram reportados casos de sarampo na Bahia nos anos de 2018, 2019 e 2020, com o pico de casos (70) acontecendo no ano de 2019. A incidência durante esses anos se manteve inferior a 0,5 casos por 100.000 habitantes durante todo o período. O sexo masculino (59%) foi mais afetado que o feminino (41%) e a faixa etária mais acometida foram adultos jovens entre 18 e 34 anos. A cobertura vacinal do sarampo enfrentou uma queda no período, com a primeira dose tríplice viral em 2016 cobrindo 85,7% da população alvo e alcançando a mínima em 2021 com 66,3% de cobertura vacinal.

Conclusão: O estado da Bahia, embora tenha apresentado casos de sarampo no período, o número foi baixo e limitado a três anos do período. As coberturas vacinais do sarampo se encontram insuficientes e geram aglomerados de população vulnerável. Diante disso, faz-se necessário o fortalecimento das estratégias de vigilância e controle dos casos de sarampo ao longo do tempo, especialmente após queda nas coberturas vacinais.

Palavras-chave: Sarampo Vacina Cobertura Vacinal Bahia

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103430>

ALTERAÇÕES TRANSCRICIONAIS PRECOCEMENTE ENVOLVIDAS NA PROGRESSÃO DE PACIENTES PARA DOENÇA ARTICULAR CRÔNICA PÓS-CHIKUNGUNYA

Mariana Severo Ramundo^{a,*},
Guilherme Cordenonsi da Fonseca^b,
Alexandra L. Gerber^b, Ana Paula Guimarães^b,
Erika Regina Manuli^a, Marina Farrel Côrtes^a,
Geovana Maria Pereira^a, Otavio Brustolini^b,

Patrícia Brasil^c, Helder I. Nakaya^d,
Gláucia Paranhos-Baccalà^e,
Ana Tereza R. Vasconcelos^b, Ester Cerdeira Sabino^a

^a Universidade de São Paulo (USP), São Paulo, SP, Brasil;

^b Laboratório Nacional de Computação Científica, Brasil;

^c Fundação Oswaldo Cruz, Rio de Janeiro, RJ, Brasil;

^d Universidade de São Paulo (USP)/Instituto Todos Pela Saúde, São Paulo, SP, Brasil;

^e bioMerieux AS, Brasil

Introdução/Objetivo: Infecções pelo vírus Chikungunya (CHIKV) podem frequentemente resultar no desenvolvimento de Doença Articular Inflamatória Crônica pós-Chikungunya (pCHIKV-CIJD). Essa condição gera impactos na qualidade de vida dos pacientes e nos gastos com a saúde pública. Neste estudo, visamos identificar mecanismos moleculares precocemente envolvidos na evolução para pCHIKV-CIJD.

Método: Pacientes em fase aguda de chikungunya foram incluídos em uma coorte prospectiva e tiveram o seguimento de 90 dias. Aqueles pacientes que permaneceram com sinais clínicos de artrite e exame de imagem alterado foram considerados pCHIKV-CIJD. O RNA foi obtido do sangue total dos pacientes e foi realizado o sequenciamento de RNA total e small RNA. Foram realizadas análises de genes e microRNAs diferencialmente expressos, enriquecimento de vias, análise de módulos de coexpressão e interactoma.

Resultados: Comparando os pacientes que evoluíram para pCHIKV-CIJD com aqueles que não evoluíram, nós identificamos assinaturas moleculares precocemente associadas a cronificação nas fases aguda e subaguda da doença. Essas moléculas foram principalmente associadas a alterações na regulação da resposta imune. Dentre elas, o gene LIFR, que codifica para um receptor celular envolvido em um aumento de transcrição de IL-6, encontra-se sub-expresso em pacientes pCHIKV-CIJD. LIFR foi previamente validado como um alvo de miR-98-5p, que encontra-se superexpresso nesses pacientes. Pacientes que evoluíram para doença crônica também apresentaram redução dos níveis de transcritos de importantes mediadores imunológicos como interleucinas e seus receptores, como IL-6 e IL-6R; genes associados ao recrutamento de células imunes e resposta adaptativa, como CCR2; e genes que codificam diferentes subunidades do complexo proteossoma. Além disso, esses pacientes apresentaram redução dos níveis de MMP8, LFT e DDIT4. Esses genes já foram descritos como alterados em outros tipos de artrite como osteoartrite e artrite reumatóide e parecem também ser relevantes para o desenvolvimento de pCHIKV-CIJD.

Conclusão: Juntos, nossos achados adicionam conhecimento acerca dos mecanismos moleculares precocemente envolvidos na cronificação e destacam potenciais alvos para novos estudos. Entender esses mecanismos é crucial para o desenvolvimento de terapias efetivas e intervenções para os pacientes acometidos, podendo mitigar os efeitos da doença e reduzir os impactos causados.

Palavras-chave: Febre Chikungunya pCHIKV-CIJD Transiptoma CHIKV

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103431>